

CPATC
Pesq. And. 46/98

pa

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros
Ministério da Agricultura e do Abastecimento
Av. Beira-Mar 3.250, CP 44, CEP 49001-970 Aracaju SE
Fone (079) 217 1300 Fax (079) 231 9145 Telex 792318 EBPA
E-mail postmaster@cpatc.embrapa.br

PESQUISA EM ANDAMENTO

Nº 46, CPATC, julho/98, p. 1-5

CICLO II DE SELEÇÃO NA POPULAÇÃO DE MILHO CMS 52 NO NORDESTE BRASILEIRO

Hélio Wilson Lemos de Carvalho¹
Maria de Lourdes da Silva Leal¹
Manoel Xavier dos Santos²

Despertado o interesse pela utilização de populações de milho de alta qualidade protéica, após serem superados os problemas associados ao gene opaco-2, com o uso de compostos de base genética ampla, foi possível selecionar populações de milho tão produtivas quanto as de milho comum, apresentando grãos de mesmo valor energético e endosperma vítreo. O Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS/EMBRAPA) introduziu várias populações desenvolvidas pelo CIMMYT, as quais foram avaliadas em diferentes regiões do Brasil (Magnavaca et al. 1988). Os resultados desses trabalhos mostraram o alto potencial para a produtividade dessas populações, criando perspectivas de serem obtidas variedades de alta qualidade protéica que sejam aceitas pelos agricultores brasileiros.

O Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros (CPATC/EMBRAPA) introduziu do CNPMS, no ano de 1994, uma amostra representativa da população CMS 52, de grãos amarelos e ciclo superprecoce e porte baixo, para iniciar um programa de melhoramento com esse material para às condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro, visando fomentar o consumo direto e indireto de milho de alta qualidade protéica na região.

Após a realização dos ciclos original (Carvalho et al. 1996) e I de seleção (Carvalho et al. no 1998) a população CMS 52 demonstrou possuir variabilidade genética suficiente para permitir ganhos para a produção de grãos, por seleção, com o desenvolver de novos ciclos de seleção.

Por essa razão, após a conclusão do ciclo I de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, recuperaram-se as 196 progênies de meios-irmãos necessárias para iniciar o ciclo II de seleção, utilizando o mesmo esquema de melhoramento, no ano agrícola de 1997.

¹ Eng.-Agr., M.Sc., Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira-Mar, 3.250, Caixa Postal 44, CEP: 49001-970, Aracaju, SE.

² Eng.-Agr., Ph. D., Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 152, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG.



Estas progênes foram avaliadas em látice 14 x 14, com duas repetições, nos municípios de Nossa Senhora das Dores e Umbaúba. Cada parcela constou de uma fileira de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,90 m, com 0,20 m entre covas dentro das fileiras. Após a realização dos ensaios, dentro do mesmo ano agrícola, foram selecionadas 8% das progênes superiores, para serem recombinadas em campos isolado por despendoamento, onde foram selecionadas 196 novas progênes, para dar seqüência ao programa de melhoramento, no ano subsequente. As progênes utilizadas para recombinação tiveram determinados os seus teores de triptofano e lisina, em laboratório especializado do CNPMS. Os ensaios e o campo de recombinação receberam uma adubação de acordo com os resultados das análises de solo das áreas experimentais.

Em todos os ensaios foram tomados os pesos de espigas, os quais foram ajustados para o nível de 15% de umidade. Foram realizadas, inicialmente, as análises de variância por local, obedecendo ao esquema em látice. A seguir, foi feita a análise de variância conjunta, a partir das médias ajustadas de tratamentos. Os quadrados médios da análise de variância conjunta foram ajustados para o nível de o indivíduos, obtendo-se, todas as variâncias nesse nível e expressas em (g/planta)², conforme Vencovsky (1978).

As estimativas dos componentes da variância foram baseadas na esperanças dos quadrados médios para blocos casualizados, usando os quadrados médios de tratamentos ajustados e do erro efetivo do látice, conforme metodologia descrita por Vianna & Silva (1978).

Forma observadas diferenças altamente significativas entre as progênes, na média dos locais, evidenciando a presença de variabilidade genética entre elas. Também, o efeito significativo da interação progênes x locais evidenciou um comportamento diferenciado das progênes frente às variações ambientais. A produtividade média das progênes avaliadas foi de 4.602 kg/ha, correspondendo a -8,00% e -10,80% das produtividades das testemunhas BR 5033 e BR 5028, respectivamente. As progênes selecionadas, com média de 5.606 kg/ha, superaram em 12,2% e 8,7% as testemunhas BR 5033 e BR 5028, respectivamente, evidenciando o efeito positivo da seleção.

As estimativas dos parâmetros genéticos constam na Tabela 1. As magnitudes dessas estimativas foram semelhantes àquelas obtidas no ciclo I (Carvalho et al. 1998) e compatíveis com àquelas relatadas por Pacheco (1987) e Carvalho et al. (1994 e 1995), evidenciando a grande variabilidade genética presente na população CMS 52. O valor do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito com médias de progênes de meios-irmãos (h^2_m) superou aquele obtido para a seleção massal (h^2), evidenciando que, para o presente caso, a seleção com médias de progênes deve ser mais eficiente que a seleção dentro das progênes, à semelhança do verificado por Carvalho et al. (1994 e 1995). A magnitude do coeficiente de variação genética reflete uma boa variabilidade entre as progênes, evidenciando a possibilidade de ganhos genéticos com o decorrer de novos ciclos de seleção. O índice mostra uma situação favorável para a seleção, na média dos dois locais.

As estimativas dos progressos genéticos entre e dentro de progênes foram de 8,42% e 3,01%, respectivamente, totalizando 11,43%, sendo compatíveis com aqueles obtidos por Carvalho et al. (1994), e superiores em relação àquelas relatados por Paterniani (1968), Segovia (1976), Pacheco (1987) e Carvalho et al. (1995), expressando, mais uma vez, o potencial genético dessa população em responder à seleção para aumento da produção de grãos.

Desde o ciclo original de seleção com essa população que o melhoramento vem sendo dirigido também para outros caracteres agrônômicos de importância e para os teores de triptofano na proteína e lisina na proteína, de modo que, algumas progênies superiores que não apresentaram características desejáveis, foram eliminadas no decorrer do processo seletivo. Os teores de triptofano na proteína e lisina na proteína, na média dos três ciclos de seleção, foram de 0,87% e 3,92%, retratando a alta qualidade protéica de população em estudo o que, associado às magnitudes dos parâmetros genéticos e às médias de produtividades das progênies, mostram que a população CMS 52 possui alta variabilidade genética, a qual possibilita a obtenção de ganhos subsequentes para a produção de grãos, com a continuidade do programa do melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARVALHO, H.W.L. de; GUIMARÃES, P.E. de O.; SANTOS, M.X. dos. **Ciclo inicial de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho CMS 52 nos tabuleiros costeiros de Sergipe**. Aracaju: Embrapa/CPATC, 1996. 8p. (EMBRAPA/CPATC. Pesquisa em Andamento, 8).
- CARVALHO, H.W.L. de.; GUIMARÃES, P.E. de O.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. **Ciclo I de seleção na população de milho CMS 52 nos tabuleiros costeiros do Nordeste brasileiro**. Aracaju: Embrapa/CPATC. 1998. 6p. (EMBRAPA/CPATC. Pesquisa em Andamento, 38).
- CARVALHO, H.W.L. de.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. **Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5028, no Nordeste brasileiro**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 29, n.11, p. 1727-1733, 1994.
- CARVALHO, H.W.L. de.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X. dos.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. **Potencial genético da população de milho (Zea mays L. CMS 33) para fins de melhoramento no Nordeste brasileiro**. *Ciência e Prática*, Lavras, v. 19, n. 1, p. 37-42, 1995.
- MAGNAVACA, R.; PAIVA, E.; WINKLER, E.I.; CARVALHO, H.W.L. de; SILVA FILHO, M. de C.; PEIXOTO, M.I.V.V.D. **Avaliação de populações de milho de alta qualidade protéica**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*; Brasília, v.23, n.14, p. 1263-1268, 1988.
- PACHECO, C.A.P. **Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes-2º ciclo de seleção**. Lavras: ESAL, 1987, 100p. Tese de Mestrado.
- PATERNIANI, E. **Avaliação de métodos de seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos no melhoramento de milho (Zea mays L.)** Piracicaba: ESALQ, 1968. 92 p. Tese de Mestrado.
- SEGOVIA, R.T. **Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (Zea mays L.) Centralmex**. Piracicaba: ESALQ, 1976. 98p. Tese de Doutorado.

PA. Nº 46, CPATC, julho/98, p. 4-5

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E: (Ed). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ, 1978, cap. 5, p. 122-201.

VIANNA, R.T.SILVA, J.C. Comparação de três métodos estatísticos de análise de variância em experimento em "látice" em milho (*Zea mays* L.) *Experiantiae*, Viçosa, v.24, p.21-41, 1978.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Assistente de Operação José Raimundo Fonseca Freitas pela participação efetiva durante todas as fases de execução dos trabalhos.

Tiragem: 100 exemplares

Revisão Gramatical:

Diagramação: Maria Amélia Costa Araújo

TABELA 1. Estimativas dos parâmetros genéticos obtidos no ciclo II de seleção entre de dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS 52. Nossa Senhora das Dores e Umbaúba, 1997.

Ciclo	σ^2_P	σ^2_A	$\sigma^2_{P \times L}$	h^2m	h^2	CVg	b	Gs* entre		Gs dentro	
		(g/planta) ²			(%)			(g/planta)	%	(g/planta)	%
II	33,7	134,8	26,2	45,8	15,3	6,7	0,6	7,27	8,42	2,60	3,01

* Para o cálculo do ganho, considerou-se $\sigma^2_d = 10\sigma^2_e$.